

## 蛾螺科三种螺的核型观察

王先志 王桂云 马庆惠 刘志芬 林玉祥 王晓帆

(辽宁师范大学生物系 大连)

### 摘 要

本文介绍了蛾螺科三种螺的核型。水泡蛾螺 (*Buccinum pumphigum*) 为  $2n=30$ , 染色体的形态分类组成为  $16m+10sm+4st$ ,  $NF=56$ ; *Plicifusus scissuratus* 为  $2n=34$ , 染色体的形态分类组成为  $20m+10sm+4st$ ,  $NF=64$ ; 香螺 (*Neptunea cumingi*) 为  $2n=60$ , 染色体的形态分类组成为  $30m+22sm+8st$ ,  $NF=112$ 。

蛾螺科核型分析, 显示贝类染色体数目及其形态与贝类进化有关。

**关键词:** 蛾螺, 染色体, 核型, 进化

海产贝类染色体研究, 包括各种贝类之间核型的比较分析, 对贝类遗传育种、贝类分类和系统演化的研究都具有一定意义。国外对贝类染色体的研究开始较早, 国内所见报道尚不多。本文对腹足纲、前鳃亚纲、新腹足目、蛾螺科三个种的核型进行了比较分析, 并探讨其演化关系。

### 材 料 和 方 法

材料捕自大连市石槽村, 海水10米左右的深处。

参照王桂云等的方法略加改进。将活螺的螺旋部砸开, 取雄性生殖腺, 放入事先准备好的50%海水中, 同时加入秋水仙素, 使终浓度达0.08%。以下步骤与王桂云等的方法基本相同。

染色体分类按 Levan 等 (1964) 的标准划分, 臂比指数在1.0—1.7之间的为中部着丝点染色体 ( $m$ ), 在1.7—3.0之间的为亚中部着丝点染色体 ( $sm$ ), 在3.0—7.0之间的为亚端部着丝点染色体 ( $st$ ), 在7.0以上的为端部着丝点染色体 ( $t$ )。染色体臂数 ( $NF$ ) 的计算:  $m$ 、 $sm$  染色体计两条臂,  $st$ 、 $t$  染色体计一条臂。

### 结 果

**水泡蛾螺:** 从表1和图版I.1可看出其染色体数  $2n=30$ , 其中属中部着丝点染色

本文经北京大学吴鹤龄教授审阅, 深表谢意。

本文1988年6月21日收到, 1989年2月3日修回。

表1 三种蛾螺染色体数统计

<i>Buccinum</i> <i>pemphigum</i>	染色体数	33	31	30	28	20		总 计
	细 胞 数	1	2	42	3	1		54
	百分率(%)	2	4	86	6	2		100%
<i>Plicifusus</i> <i>scissuratus</i>	染色体数	38	37	36	34	30	28	20
	细 胞 数	1	2	2	48	4	2	3
	百分率(%)	1.6	3.2	3.2	77.5	6.5	3.2	4.8
<i>Neptunea</i> <i>cumingi</i>	染色体数	78	72	68	64	60	57	42
	细 胞 数	2	2	6	5	81	2	2
	百分率(%)	2	2	6	5	81	2	2

体(m)的8对,即Nos.1、3、5、8、10、11、12、14染色体;属亚中部着丝点染色体(sm)的5对,即Nos.4、6、9、13、15染色体;属亚端部着丝点染色体(st)的2对,即Nos.2、7染色体(表2、图版I.2)。核型公式  $2n = 16m + 10sm + 4st$ ,  $NF = 56$ 。

*Plicifusus scissuratus*: 从表1和图版I.3可看出,染色体数为34,其中属中部着丝点(m)的10对,即Nos.1、2、3、4、6、12、14、15、16、17染色体;属亚中部着丝点(sm)的5对,即Nos.5、7、9、11、13染色体;属亚端部着丝点(st)的2对,即Nos.8、10染色体(表2、图版I.4)。核型公式  $2n = 20m + 10sm + 2st$ , 染色体总臂数  $NF = 64$ 。

香螺: 从表2和图版I.5可见香螺的  $2n = 60$ , 其中属中部着丝点(m)的15对, Nos.1、4、5、8、9、14、20、21、23、25、26、27、28、29、30染色体,属亚中部着丝点(sm)的11对,即Nos.2、3、11、13、15、16、17、18、19、22、24染色体。属亚端部着丝点(st)的4对,即Nos.6、7、10、12染色体(表2、图版I.6)。核型公式  $2n = 30m + 22sm + 8st$ 。

在三种螺的染色体中均未发现有次缢痕和随体,也未见有性染色体。

## 讨 论

以染色体数目讨论动物间的演化关系,已有不少报道。首先据以进行贝类分类探讨的是 Perrot (1938)。他对腹足纲、肺螺亚纲、柄眼目巴蜗牛科 (Bradyobainidae) 20余种的染色体进行了研究。随着多种贝类染色体数目的了解,逐渐形成以染色体数目探讨分类系统的贝类细胞分类学。稻叶明彦统计了腹足纲某些目的一些种类的染色体数和对田螺科的染色体作了分析,指出“从目前所知看来,至少在田螺科染色体数越多,则属于更进化的种类,这表明进化与染色体数的增加有关联性”。笔者曾观察到原始腹足目、新腹足目数种螺的染色体数。本文所报道的香螺的染色体数60是较多的。仅从染色体数目看香螺可能较另两种进化。而水泡蛾螺在三种中染色体数最少,可能较为原始,这与形态分类相符,即螺类没有水管的为原始种类,三种中只有水泡蛾螺无水管。

表2 峨螺科三个种的染色体测量参数

<i>Buccinum penphigum</i>					<i>Plicifusus scissuratus</i>					<i>Neptunea cumingi</i>					
编号	q	p	臂比	类型	编号	q	p	臂比	类型	编号	q	p	臂比	类型	
1	44.6	42.7	1.044	m	1	42.75	35	1.214	m	1	48.7	46.5	1.048	m	
2	52.3	16.5	3.166	st	2	41.25	34.75	1.187	m	2	46.5	21.7	2.13	sm	
3	38	30.5	1.246	m	3	38	35.25	1.078	m	3	43.25	24.375	1.77	sm	
4	40.5	21	1.904	sm	4	40.75	28.25	1.442	m	4	36.6	27.7	1.32	m	
5	28	24.5	1.143	m	5	45.375	23	1.972	sm	6	32.25	28.2	1.14	m	
6	32.5	16.5	1.969	sm	6	30.125	30.75	1.021	m	6	44.8	12.6	3.55	st	
7	39	9.75	4.000	st	7	39.25	14.6	2.071	sm	7	44	13.5	3.26	st	
8	30.5	17.76	1.690	m	8	39.75	9.75	4.076	st	8	30.7	24	1.28	m	
9	36	12.5	2.800	sm	9	30.5	17.75	1.718	sm	9	33.5	20.7	1.61	m	
10	28.1	17.2	1.630	m	10	29	9.25	3.135	st	10	41.7	12.2	3.40	st	
11	26.5	17.5	1.485	m	11	24.625	11.5	2.141	sm	11	36.7	16.2	2.26	sm	
12	26.5	16.2	1.630	m	12	22	13.3	1.645	m	12	41.5	11	3.77	st	
13	26	11.2	2.222	sm	13	21.2	11.5	1.848	sm	13	36.7	15.5	2.37	m	
14	18.7	15.7	1.190	m	14	15.5	12.7	1.215	m	14	28.8	23	1.26	m	
15	21.75	10.75	2.023	sm	15	16.1	12	1.344	m	16	32.1	18.2	1.76	sm	
					16	13	8.5	1.529	m						
单倍体总长705.625					17	10.5	7	1.571	m						单倍体总长1473.5
					单倍体总长816.125										

原始腹足目与新腹足目染色体数的比较,显示贝类中染色体的增加与进化相关。但也有相反的观点,在整个动物类群中也不完全如此。笔者也认为染色体数相近的种类,也可能是染色体数较少的种类较为进化,也就是说不能排除染色体数减少也可能形成新种,即由染色体结构变异或减数分裂不正常造成。所以本文报道的染色体数相近的两种需进一步通过多方面的深入研究,包括染色体分带等工作才能进一步确定。

综上所述,我们认为,贝类染色体的数目与贝类的进化有关。贝类染色体数目及核型可做为分类的一种手段。与外部形态和内部结构结合起来,参考化学分类,能够较确切地探讨各类群、种间的分类地位及演化关系。特别是对形态结构相近,在分类上又有争议的种,参考其核型及分带技术的应用,或将有助于争议的解决。

### 参 考 文 献

- 王桂云等 1988 动物学研究 9(2):171—174。  
 齐钟彦、马铸同等 1983 中国动物图谱、软体动物第二册 89页 科学出版社。  
 吴 融 1985 水产学报 9(2):207—215。  
 陈德牛译 1985 动物学杂志 (4):44—48。  
 周 瞰 1984 动物学研究 5(1):38—46。  
 施立明 1976 动物学报 29(3):212—214。  
 中村宏 1985 贝类学杂志(日) 44(3):193—225。  
 和田克彦·古丸明 1985 贝类学杂志(日) 44(3):183—192。  
 稻叶明彦·佐伯保子 1967 贝类学杂志(日) 26(1):8—16。  
 Akihiko inaba 1969 Cytotaxonomic studies of Lymnaeid snails. *Malacologia* 7(2—3):143—168。  
 Noorullah Babrakzai *et al.* 1984 Cytogenetic study of interspecific hybrids of *Ashmunella* (Mollusca: Polygyridae). *Malacologia* 25(2):413—426。  
 Natarajan, R. *et al.* 1965 Cytological studies of Planorbidae. *Malacologia* 2(2): 239—251。

## OBSERVATION OF KARYOLOGICAL IN THREE SPECIES OF BUCCINIDAE (MOLLUSCA: NEOGASTROPADA)

Wang Xianzhi Wang Guiyun Ma Qinghui Liu Zhifen  
Lin Yuxiang Wang Xiaofan

(Department of Biology, Liaoning Normal University, Dalian)

This paper reports the chromosome preparation and karyotype studies of the three species in Buccinidae. The gonads were dissected from the animals and chromosome slides were made.

*Buccinum pempigum*: The diploid number was found to be 30 and the total number of chromosomal arms (NF) to be 56. All the chromosomes matched into 15 pairs, divided into three groups, 8 pairs of metacentric chromosomes, 5 pairs of submetacentric chromosomes, and 2 pairs of telocentric chromosome.

*Plicifusus scissuratus*: The diploid chromosome number was found to be 34, and the total number of chromosomal arms (NF) to be 64. All the chromosomes could be matched into 17 pairs, divided into three types, 10 pairs of metacentric chromosomes, 5 pairs of submetacentric chromosomes, and pairs of 2 telocentric chromosomes.

*Neptunea cumingi*: The diploid chromosome number was found to be 60 and the total number of chromosomal arms (NF) to be 112. All the chromosomes could be matched into 30 pairs, divided into three types, 15 pairs of metacentric chromosomes, 11 pairs of submetacentric chromosomes, and 4 pairs of telocentric chromosomes.

The evolution of gastropoda relates, presumably, to the increase of the number of chromosomes.

**Key words:** Buccinidae, Chromosomes, Karyotype, Evolution

图版 I

